

mtDNA Cytochrome b 유전자에 기초한 한국재래염소의 계통유전학적 분석

김재환 · 변미정 · 고응규 · 김성우 · 김상우 · 도윤정 · 김명직 · 윤세형 · 최성복*

농촌진흥청 국립축산과학원

Phylogenetic Analysis of Korean Native Goats Based on the Mitochondrial Cytochrome b Gene

Jae-Hwan Kim, Mi-Jeong Byun, Yeoung-Gyu Ko, Sung Woo Kim, Sang Woo Kim, Yoon Jung Do, Myung-Jick Kim, Sei Hyung Yoon and Seong-Bok Choi*

National Institute of Animal Science, RDA, Namwon, 590-832, Korea

ABSTRACT

The goal of this study was to verify the phylogenetic status of the Korean native goats (KNG). We determined the complete sequence of the mitochondrial cytochrome b gene in 48 goats among four populations. We also analyzed genetic variability within goats, and a phylogenetic analysis was performed by comparison with other country's goats. Three nucleotide substitutions were detected, and two of these were missense mutations that occurred due to a substitution of amino acid. Four haplotypes were defined from KNG. Three of these haplotypes were only found in the Chinese goat. However, the other haplotype was KNG-specific. In the phylogenetic analysis, four clades (A~D) were classified among domestic goats, and the KNG was classified into clade 1 that estimated as lineage A based on the D-loop sequence. Each haplotype from the KNG was clustered closely with that of the Chinese goat. The results of haplotype distribution and phylogenetic location suggest that strong gene flow occurred from China to the Korean Peninsula.

(**Key words** : Korean native goat, Phylogenetic analysis, Cytochrome b, Haplotype, Gene flow)

서 론

가축화 염소 (*Capra hircus*)는 전세계적으로 넓게 분포하고 있으며, 특히 아시아 및 아프리카의 여러 나라에서 고기, 털, 가죽뿐만 아니라 새로운 품종개발을 위한 소재로 활용되고 있다 (Porter, 1996; MacHugh와 Bradley, 2001; Takahashi 등, 2008; Suwit 등, 2010). 고고학적인 연구를 통해 염소는 1만 년 전 서남아시아의 Fertile Crescent 지역에서 최초로 가축화된 반추위동물로 추정되고 있으며 (Mason, 1984; Zeder와 Hesse, 2000), 인류문명 초기부터 농경, 경제, 문화, 종교 등 여러 분야와 높은 연관성을 가지고 있다 (Hasegawa 등, 1985).

최근 들어 생물자원에 대한 패러다임이 변화함에 따라 자원 보유국의 배타적 권리가 인정되면서 자원의 확보, 보존, 관리와 더불어 특성평가 및 활용 등에 많은 관심과 노력을 기울이고 있다. 특히 재래품종을 보유하고 있는 국가들은 그들의 유전적 다양성 평가 및 계통유전학적 분석 등 분자생물학적인 특성평가 결과를 보고하고 있다 (Amills 등, 2004; Serrano 등, 2009; Berthouly 등, 2010; Martín-Burriel 등, 2011). 한국재래염소는 국제식량농업기구

(FAO) 산하의 가축다양성정보시스템 (DAD-IS, <http://dad.fao.org/>)에 등록된 우리나라 유일의 염소품종이지만, 아직까지 이들에 대한 유전적 다양성 평가와 계통유전학적 연구는 거의 전무한 상태이며 보다 폭넓은 분석이 필요하다.

Mitochondrial DNA (mtDNA)를 이용하여 가축의 기원, 가축화 시기의 해석과 유전적 다양성 확인을 위한 많은 연구결과가 여러 가축을 대상으로 보고되었다 (Vilà 등, 2001; Hiendleder 등, 2002; Savolainen 등, 2002). 특히 cytochrome b 유전자는 전체 1.2 kb로서, mtDNA 내부에 존재하는 중요한 단백질 암호화 유전자들 중 하나이다. cytochrome b 유전자는 특징적인 모계유전양상을 보이고 유전자 재조합이 거의 발생하지 않으며, 또한 유전자의 구조와 서열이 이미 잘 알려져 있기 때문에 소 (Stock 등, 2009), 돼지 (Souza 등, 2009), 염소 (Mannen 등, 2001; Sultana 등, 2003), 닭 (Yap 등, 2010) 등 다양한 종에서 계통유전학적 분석에 활용되고 있다.

따라서 본 연구에서는 흑모색의 한국재래염소를 공시 후 mtDNA cytochrome b 유전자의 서열을 결정하고 이를 이용하여 유전적 다양성 평가와 계통유전학적 위치를 파악함으로써 우리나라 재래가

* Corresponding author : Seong-Bok Choi, National Institute of Animal Science, R.D.A., Namwon 590-832, Jeonbuk, Korea. Tel: 063-620-3534, Fax: 063-620-3590, E-mail: csb3452@korea.kr

축 유전자원의 분자유전학적 특성평가의 토대를 마련하기 위하여 본 연구를 수행하였다.

재료 및 방법

1. 시료 수집 및 DNA 추출

본 연구를 위해 공시된 한국재래염소는 국립축산과학원 가축유전 자원시험장에서 보존·관리 중인 3개 집단(당진·통영·장수)과 농가 유래 1개 집단(영양) 등 총 4개 집단이며, 각 집단에서 12두씩 전체 48두에 대한 혈액시료를 채취한 후 -70°C 에 보관하였다. Genomic DNA는 sucrose-Proteinase K 방법(Birren 등, 1997)을 일부 변형하여 추출하였으며, NanoDrop ND1000(Thermo Scientific, USA)으로 농도를 측정한 후 mtDNA cytochrome b 유전자를 증폭하기 위한 주형으로 사용하였다.

2. Cyt b 유전자 증폭 및 서열결정

염소(*Capra hircus*) mtDNA 전체서열(NC_005044) 중 tRNA-Glu, cytochrome b 유전자 내부 및 tRNA-Thr 영역의 서열을 이용하여 2쌍의 primer를 서로 중복되게 제작하였다(Table 1). PCR 반응은 Taq polymerase 1.5 unit (TaKaRa, Japan), $10\times$ buffer 2.5 μl , 0.2 mM dNTP, 1.5 mM MgCl_2 , 10 pmol primer 각각 1.5 μl , genomic DNA 20 ng 그리고 증류수를 첨가하여 최종 25 μl 로 반응하였다. PCR 증폭은 GeneAmp PCR system 9700(ABI, USA)을 이용하여 94°C 에서 5분간 초기변성 후 94°C 에서 30초, 60°C 에서 30초, 72°C 에서 60초를 1회로 하여 35회 반복수행 하였으며, 72°C 에서 5분간 최종 신장하였다. PCR 증폭산물은 1.5% agarose 전기영동 상에서 최종 확인한 후 QIAEX II Gel Extraction Kit(Qiagen, USA)로 정제하였다. 염기서열 분석은 ABI 3130 DNA Genetic Analyzer(ABI, USA)를 이용하여 direct-sequencing을 수행하였다. 분석서열은 염소 mtDNA 전체서열(NC_005044)을 기준으로 cytochrome b 유전자 영역의 앞뒤 경계지역을 확인하여 결정하였으며, GenBank database에 등록하였다(JX010743-46).

3. 염기서열 정렬 및 계통유전학적 분석

본 연구에서 결정된 48개 한국재래염소 cytochrome b 유전자

서열을 대상으로 CLUSTAL W 프로그램(Thompson 등, 1994)을 이용하여 다중염기정렬을 실시하였다. 변이부위 탐색, 유전적 변이성 추정 및 haplotype의 결정은 DNA Sequence Polymorphism(Ver. 5.1)을 사용하였다. GenBank database로부터 외국 품종에서 보고된 cytochrome b 유전자 전체서열 30개를 수집하고 이들을 이용한 한국재래염소의 계통유전학적 분석을 위해 Neighbor-joining tree(Saiou와 Nei, 1987)를 작성하였다. 이 때 Tamura & Nei distance model을 적용한 Mega 5.05 package(Tamura 등, 2011)를 이용하였으며, 계통도의 신뢰도를 평가하기 위해 1,000회 반복실행 후 bootstrap value(Felsenstein, 1985)를 산출하였다.

결과 및 고찰

본 연구에서는 한국재래염소 4개 집단, 48두를 대상으로 mtDNA cytochrome b 유전자의 염기서열을 결정하였다. 모든 개체들의 전체 염기서열 길이는 1,140 bp로 확인되었으며, 기존에 보고된 서열들과 동일하게 나타났다. 모든 개체의 서열에 대한 다중염기정렬 결과 3개의 염기변이(accession no. AB004072 기준 174, 190, 1114번째)가 동정되었으며, 염기삽입 및 결손은 확인되지 않았다(Table 2). 3개의 염기변이 중 190번째, 1114번째 염기변이는 missense 변이로서, C190T에 의해서 S64P, A1114C에 의해서 I372L로 아미노산 치환이 발생하였다. 본 연구에서의 cytochrome b 유전자에서 확인된 염기변이율은 동일개체의 mtDNA D-loop 영역에 비해 현저히 낮게 나타났으며(Kim 등, 2011), 기존 연구보고들과 동일하게 AT 함량이 59%로 GC 함량에 비해서 높게 나타났다(Chen 등, 2006).

전체 집단에서 확인된 3개의 염기변이는 당진 및 장수 집단에서 2개, 통영과 영양집단에서는 1개가 확인되었다(Table 3). Haplotype은 전체 4개로 분류되었는데, 모든 집단에서 2개씩 분류되었다. Haplotype 다양성 지수는 장수집단이 0.3030으로 가장 높은 반면 나머지 집단은 0.1667로 동일하였다. 염기다양성 지수는 장수집단이 0.00053으로 가장 높게 나타났으며, 다음은 당진, 그리고 통영 및 영양집단 순으로 낮게 나타났다.

한국재래염소 48두와 외래품종들과의 haplotype 분포 및 연관성을 확인하기 위하여 GenBank database로부터 한국, 중국, 일본, 라오스, 파키스탄에 분포하는 재래염소 31개 cytochrome b 전체 서열을 수집하였다(Table 4). 본 연구에서 분석한 한국재래염소 48두 중 haplotype-1(hap-1)은 43두, hap-2는 3두, hap-3과 hap-

Table 1. The primer sequences for mtDNA cytochrome b gene amplification

| Target | Primer sequence (5'---3') | |
|--------|---------------------------|------------------------|
| | Forward | Reverse |
| CytB 1 | CATGGAATCTAACCATGACCAA | TTAGTAGCATGGCGCCTAAGA |
| CytB 2 | CTGCTCTTCCTCCACGAAAC | TGGCTATTCTCCTTTTCTGGTT |

Table 2. Sequence variations of KNG mtDNA cytochrome b gene

| Haplotype | Position | | |
|-----------|----------|------|-------|
| | 174 | 190* | 1117* |
| 1 | T | T | A |
| 2 | C | C | A |
| 3 | C | T | A |
| 4 | T | T | C |

* A nucleotide substitution that caused an amino acid change.

4는 각각 1두를 포함하였으며, 대부분의 한국재래염소는 hap-1에 속하였다 (Table 5). 기존에 보고된 한국재래염소 (Takada 등, 1997; AB004072) 역시 hap-1에 속하였다. hap-1~3은 중국재래염소에서도 확인되었는데, hap-1은 Cgu, Cji 집단에서, hap-2는 Cji 집단에서, hap-3은 Cgu, Cji, Chm 집단에서 나타났다. 특히, hap-1과 hap-3은 중국재래염소 집단에서도 높은 빈도로 분포하였다. 그러나 중국을 제외한 나머지 외래 염소품종에서는 한국재래염소와 동일한 haplotype은 확인되지 않았다. hap-4는 한국재래염소에서만 나타나는 특이적인 유전형으로 확인되었다.

한국재래염소의 계통유전학적 위치를 확인하기 위하여 Table 5에서 분류된 20개 haplotype 서열과 GenBank database (AF034734-5, AF034738, D84202)에서 추가 수집된 4개의 야생

Table 3. Genetic diversity among four populations based on the complete mtDNA cytochrome b gene sequence

| Region | Population ¹⁾ | Sample size | Number of polymorphic sites | Number of haplotypes | Haplotype diversity | Nucleotide diversity |
|----------|--------------------------|-------------|-----------------------------|----------------------|---------------------|----------------------|
| Complete | Da | 12 | 2 | 2 | 0.1667 | 0.00029 |
| | Ja | 12 | 2 | 2 | 0.3030 | 0.00053 |
| | To | 12 | 1 | 2 | 0.1667 | 0.00015 |
| | Ye | 12 | 1 | 2 | 0.1667 | 0.00015 |
| | Total | 48 | 3 | 4 | 0.1968 | 0.00028 |

¹⁾ Aliases for population names of KNGs used in this study. Da: Dangjin, Ja: Jangsu, To: Tongyeong, and Ye: Yeongyang.

Table 4. Information on reference sequences for comparison with KNGs

| Country | Abbreviation | Description | Number of sequences | Accession numbers |
|----------|--------------|-------------------|---------------------|--|
| Korean | KNG | — | 48 | In this study (JX010743-46) |
| | Kor | — | 1 | AB004072 |
| China | Cgu | Guizhou | 9 | EU350119, EU350121, EU350123, EU350125, EU350127, EU350129, EU350131-3 |
| | Cji | Jiangsu (white) | 6 | EU130773, EU130774, EU130776, EU130777, EU130778, EU130779 |
| | Cyw | Yangcheng (white) | 3 | GQ141263-5 |
| | Clq | Licheon daqing | 1 | GQ141260 |
| | Chm | Hongtong milking | 1 | GQ141261 |
| | Clq | Lingqiu qingbei | 1 | GQ141262 |
| | Japan | Jsh | Shiba | 1 |
| Jto | | Tokara | 1 | AB004075 |
| Laos | La | — | 2 | EU130773-4 |
| Pakistan | Pa | — | 5 | EU130776-9, AB004073 |
| Total | | | 79 | |

Table 5. Distribution of mtDNA haplotypes in 13 goat populations

| Haplotype | Breed / population | | | | | | | | | | | | | Total |
|-----------|--------------------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|----|-------|
| | KNG | Kor | Cgu | Cji | Cyw | Cld | Chm | Cyw | Clq | Jsh | Jto | La | Pa | |
| hap-1 | 43 | 1 | 1 | 2 | | | | | | | | | | 47 |
| hap-2 | 3 | | | 1 | | | | | | | | | | 4 |
| hap-3 | 1 | | 7 | 1 | | | 1 | | | | | | | 10 |
| hap-4 | 1 | | | | | | | | | | | | | 1 |
| hap-5 | | | | 1 | | | | | | | | | | 1 |
| hap-6 | | | | 1 | | | | | | | | 1 | | 2 |
| hap-7 | | | 1 | | | | | | | | | | | 1 |
| hap-8 | | | | | | 1 | | | | | | | | 1 |
| hap-9 | | | | | | | | | 1 | | | | | 1 |
| hap-10 | | | | | 1 | | | | | | | | | 1 |
| hap-11 | | | | | 1 | | | | | | | | | 1 |
| hap-12 | | | | | 1 | | | | | | | | | 1 |
| hap-13 | | | | | | | | | | | | 1 | | 1 |
| hap-14 | | | | | | | | | | | | | 1 | 1 |
| hap-15 | | | | | | | | | | | | | 1 | 1 |
| hap-16 | | | | | | | | | | | | | 1 | 1 |
| hap-17 | | | | | | | | | | | | | 1 | 1 |
| hap-18 | | | | | | | | | | | | | 1 | 1 |
| hap-19 | | | | | | | | | | 1 | | | | 1 |
| hap-20 | | | | | | | | | | | | 1 | | 1 |

염소 (Ibex, Bezoar, Western Caucasian tur, Markhor) 서열을 이용하여 neighbor-joining tree를 작성하였다 (Fig. 1). 이 때 양 (*Ovis aries*; AF034730)의 서열을 outgroup으로 이용하였다. 한국재래염소를 포함한 재래품종들은 야생염소와 독립된 그룹을 형성하며 4개의 clade로 분류되었다. 한국재래염소의 4개 haplotype은 모두 clade 1에 포함된 반면 clade 2-4에는 포함되지 않았다. Clade 1에서 hap-1, 3은 중국 품종과 동일한 haplotype을 보였고, hap-4 역시 중국품종들과 가까운 유연관계를 보인 반면 hap-2는 일본 및 파키스탄 품종과 하나의 소그룹을 형성하였다.

최근에 mtDNA D-loop 영역에 기초한 연구결과에 의하면 가축화 염소들의 모계혈통 (mtDNA lineage; A, B, C, D, F, G)가 다양하게 나타나며, 각 모계혈통과 지리적 분포의 연관성이 보고되었다 (Sultana 등, 2003; Joshi 등, 2004; Chen 등, 2005; Naderi 등, 2007). 이런 결과들로 야생염소가 가축화 과정에서 다양한 모계혈통에 영향을 받았거나 혹은 가축화가 발생한 후 다른 모계혈통이 유입되었을 것으로 추정된다. 한국재래염소의 기원 및 계통유전학적 분석 연구는 거의 전무한 실정이지만, Kim 등 (2011), Odahara 등 (2005)은 한국재래염소에서는 모계혈통-A만 나타남을 보고하였다. 또한 본 연구에서의 수집서열 중 Pa-1, 2와 Pa-3, 4는 각각 모계혈통-C, D (Sultana 등, 2003), La-1과 La-2는 각각 모계혈통-A, B (Mannen 등, 2001)로 보고되었다. 비록 clade 4와

나머지 clade의 분지점 (bootstrap value : 100%)을 제외하면 bootstrap value가 낮지만, clade 1~4는 모계혈통 A, D, B, C로 추정된다. 또한 이들 모계혈통의 순서가 야생염소를 기준으로 C, B, D, A 순으로 배열되는 현상 역시 D-loop을 이용한 여러 계통 분석 결과와 일치하였다 (Sultana 등, 2003; Chen 등, 2005; Liu 등, 2009). 이런 결과들에 의해서 D-loop 영역과 cytochrome b 유전자에 의한 계통유전학적 분석결과는 높은 연관성을 보이는 것으로 사료된다.

기존 연구결과들에 의하면 염소는 서남아시아의 Fertile Crescent 지역 혹은 파키스탄에서 가축화가 발생했고, 이들이 아시아, 유럽, 아프리카로 이동했을 것으로 추정하고 있다 (Porter, 1996; Zeder와 Hesse, 2000). 현재 mtDNA D-loop에 기초한 다양한 모계혈통들이 중국, 인도, 파키스탄 등에서 보고되고 있다 (Sultana 등, 2003; Joshi 등, 2004; Naderi 등, 2007; Liu 등, 2009). 그러나 한국재래염소는 단지 모계혈통-A만 나타나며 (Kim 등, 2001; Odahara 등, 2005), 본 연구에서는 중국의 일부 품종과 동일한 cytochrome b haplotype을 보였다. 이런 현상의 원인은 중국의 여러 모계혈통 중 일부가 우리나라로 유입되었을 가능성과 2개 이상의 모계혈통이 유입되었지만 환경적 혹은 또 다른 이유에 의해서 모계혈통-A만 살아남았을 가능성 등 두 가지로 추정이 가능할 것으로 판단된다.

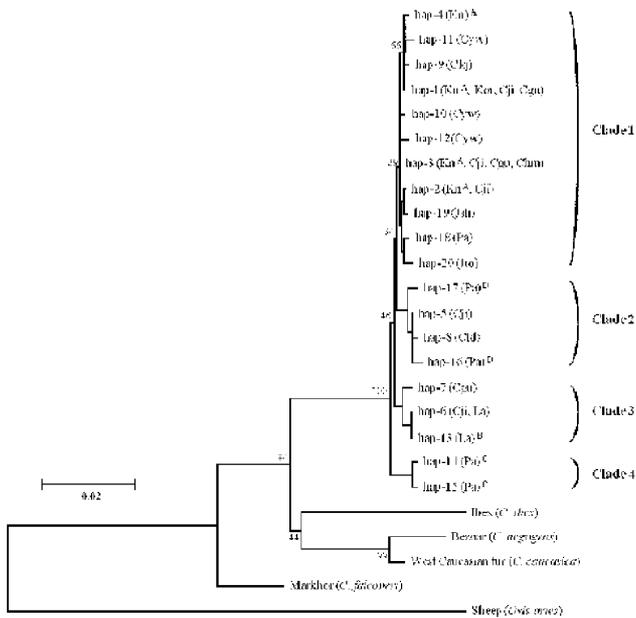


Fig. 1. Phylogenetic relationships among domestic and wild goats using mtDNA cytochrome b sequences. The tree was constructed with neighbor-joining method (Saitou and Nei, 1987) using the Tamura-Nei distance and assuming $\alpha=0.5$. Numbers at branches represent bootstrap values of 1000 replications. Bar scale indicates genetic distance. Abbreviations for population or breed are the same as those in Table 4.

^{A-D} Means are A-D mtDNA lineages classified by D-loop region, respectively.

본 연구는 mtDNA cytochrome b 유전자 서열에 기초한 한국재래염소의 유전적 다양성 파악 및 계통유전학적 분석을 통해 한국재래염소와 중국의 일부 품종들 사이의 높은 유전적 유연관계가 존재함이 확인되었다. 하지만 한국재래염소의 낮은 haplotype에 의한 분석의 한계가 있으며, 또한 비교 집단 및 각 집단의 개체수가 적기 때문에 유입 경로 및 과정에 대해서 정확한 해석은 어려운 것이 사실이다. 한국재래염소는 왜 ‘모계혈통-A만 존재하는가’와 더불어 역사적, 진화적으로 더욱 명확한 해석을 위해서는 아시아 전역에 분포하는 더 많은 집단·개체의 수집과 더불어 핵 DNA에 존재하는 MS 마커, 부계유전양상을 보이는 Y 염색체 등을 이용한 추가 분석이 이루어져야 할 것으로 사료된다.

요 약

한국재래염소의 계통유전학적 위치를 확인하기 위해서 한국재래염소 4개 집단 48두를 공시한 후 mitochondrial DNA (mtDNA) 내부의 cytochrome b 유전자의 전체서열을 분석하였다. 또한 이 서열들을 이용하여 한국재래염소의 유전적 다양성을 확인하였고,

다른 나라의 여러 염소품종들과의 계통유전학적 분석을 수행하였다. 한국재래염소 cytochrome b 유전자 서열을 토대로 3개의 염기 변이가 동정되었으며, 그 중 2개는 아미노산 치환을 일으키는 missense 변이로 확인되었다. 또한 4개의 haplotype으로 분류되었는데, 이 중 3개는 중국 재래염소 품종에서도 나타났으나 다른 나라의 품종에서는 확인되지 않았다. 계통유전학적 분석 결과 모든 재래염소는 4개의 clade를 형성하였으나, 5개의 야생염소와는 독립적인 그룹을 형성하였다. 한국재래염소는 mtDNA D-loop에 분류되는 여러 모계혈통 중 모계혈통-A로 추정되는 clade 1에 포함되었다. 한국재래염소에서 보여진 각각의 haplotype은 중국 재래염소품종들과 상대적으로 가까운 유전적 유연관계를 보였다. 기존 연구결과와 본 연구의 분석결과를 종합해보면 과거에 일부 중국 재래염소품종이 한반도로 유입되어 한국재래염소의 기원 및 가축화에 영향을 주었을 것으로 사료된다.

(주제어 : 한국재래염소, cytochrome b, 계통유전학적 분석, haplotype, 모계혈통)

사 사

본 논문은 농촌진흥청 연구개발사업 (과제번호: PJ008431012012)에서 연구비를 지원 받았습니다.

인 용 문 헌

Amills, M., Capote, J., Tomas, A., Kelly, L., Obexer-Ruff, G., Angiolillo, A. and Sanchez, A. 2004. Strong phylogeographic relationships among three goat breeds from the Canary Islands. J. Dairy Res. 71:257-262.

Berthouly, C., Maillard, J. C., Doan, L. P., Van, T. N., BedHom, B., Leroy, G., Thanh, H. H., Laloč, D., Bruneau, N., Chi, C. V., Dang, V. N., Verrier, E. and Rognon, X. 2010. Revealing fine scale subpopulation structure in the Vietnamese H'mong cattle breed for conservation purposes. BMC Genetics 11:45.

Birren, B., Green, E. D., Klapholz, S., Myers, R. M. and Roskams, J. 1997. Genome analysis: A Laboratory Manual (USA: Cold Spring Harbor Laboratory Press).

Chen, S. Y., Su, Y. H., Wu, S. F., Sha, T. and Zhang, Y. P. 2005. Mitochondrial diversity and phylogeographic structure of Chinese domestic goats. Mol. Phylogenet. Evol. 37:804-814.

Chen, S., Fan, B., Liu, B., Yu, M., Zhao, S., Zhu, M., Xiong, T. and Li, K. 2006. Genetic variations of 13 indigenous Chinese goat breeds on cytochrome b gene sequences. Biochem. Genet. 44:89-99.

Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. Evolution 39:783-791.

Hasegawa, M., Kishino, K. and Yano, T. 1985. Dating the human-

- ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *J. Mol. Evol.* 22:160-174.
- Hiendleder, S., Kaupe, B., Wassmuth, R. and Janke, A. 2002. Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc. R. Soc. Lond. B* 269:893-904.
- Joshi, M. B., Rout, P. K., Mandal, A. K., Tyler-Smith, C., Singh, L. and Thangaraj, K. 2004. Phylogeography and origin of Indian domestic goats. *Mol. Biol. Evol.* 21:454-462.
- Kim, J. H., Cho, C. Y., Choi, S. B., Cho, Y. M., Yeon, S. H. and Yang, B. S. 2011. mtDNA diversity and phylogenetic analysis of Korean native goats. *Korean J. Life Sci.* 21:1329-1335.
- Liu, Y. P., Cao, S. X., Chen, S. Y., Yao, Y. G. and Liu, T. Z. 2009. Genetic diversity of Chinese domestic goat based on the mitochondrial DNA sequence variation. *J. Anim. Breed. Genet.* 126:80-89.
- MacHugh, D. E. and Bradley, D. G. 2001. Livestock genetic origins: goats buck the trend. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98:5382-5384.
- Mannen, H., Nagata, Y. and Tsuji, S. 2001. Mitochondrial DNA reveal that domestic goat (*Capra hircus*) are genetically affected by two subspecies of bezoar (*Capra aegagurus*). *Biochem. Genet.* 39:145-154.
- Martín-Burriel, I., Rodellar, C., Cañón, J., Cortés, O., Dunner, S., Landi, V., Martínez-Martínez, A., Gama, L. T., Ginja, C., Penedo, M. C. T., Sanz, A., Zaragoza, P. and Delgado, J. V. 2011. Genetic diversity, structure, and breed relationships in Iberian cattle. *J. Anim. Sci.* 89:593-906.
- Mason, I. L. 1984. *Evolution of domesticated Animal*. Longman, London.
- Naderi, S., Rezaei, H. R., Taberlet, P., Zundel, S., Rafat, S. A., Naghash, H. R., El-Barody, M. A. A., Ertugrul, O. and Pompanon, F. 2007. Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. *PLoS ONE* 10:e1012.
- Odahara, S., Chung, H. P., Choi, S. H., Yu, S. L., Sasazaki, S., Mannen, H., Park, C. S. and Lee, J. H. 2005. Mitochondrial DNA diversity of Korean native goats. *J. Anim. Science* 19:482-485.
- Porter, V. 1996. *Goats of the world*. Farming Press, Ipswich, UK.
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4:406.
- Savolainen, P., Zhang, Y. P., Luo, J., Lundeberg, J. and Leitner, T. 2002. Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science* 298:1610-1613.
- Serrano, M., Calvo, J. J., Martínez, M., Marcos-Carcavilla, A., Cuevas, J., González, C., Jurado, J. J. and Díez de Tejada, P. 2009. Microsatellite based genetic diversity and population structure of the endangered Spanish Guadarrama goat breed. *BMC Genetics* 10:61
- Souza, C. A., Paiva, S. R., Pereira, R. W., Guimarães, S. E., Dutra, W. M., Murata, L. S. and Mariante, A. S. 2009. Iberian origin of Brazilian local pig breeds based on Cytochrome b (MT-CYB) sequence. *Anim. Genet.* 40:756-762.
- Stock, F., Edwards, C. J., Bollongino, R., Finlay, E. K., Burger, J. and Bradley, D. G. 2009. Cytochrome b sequences of ancient cattle and wild ox support phylogenetic complexity in the ancient and modern bovine populations. *Anim. Genet.* 40:694-700.
- Sultana, S., Mannen, H. and Tsuji, S. 2003. Mitochondrial DNA diversity of Pakistani goats. *Anim. Genet.* 34:417-421.
- Suwit, A., Nomura, K., Oishi, T. and Amano, T. 2010. Goat genetic resources and breeding strategies in Thailand. *Anim. Genet.* 38: 41-48.
- Takada, T., Kikkawa, Y., Yonekawa, H., Kawakami, S. and Amano, T. 1997. Bezoar (*Capra aegagrus*) is a matriarchal candidate for ancestor of domestic goat (*Capra hircus*): evidence from the mitochondrial DNA diversity. *Biochem. Genet.* 35:315-326.
- Takahashi, H., Nyamsamba, D., Mandakh, B., Zagdsuren, Y., Amano, T., Nomura, K., Yokohama, M., Ito, S. and Minezawa, M. 2008. Genetic structure of Mongolian goat populations using microsatellite loci analysis. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 21:947-953.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. and Kumar, S. 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetic analysis using maximum likelihood evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Mol. Biol. Evol.* 28:2731-2739.
- Thompson, J. D., Higgins, D. G. and Gibson, T. I. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucl. Acids Res.* 22:4673-4680.
- Vilà, C., Leonard, J. A., Götherström, A., Marklund, S., Sandberg, K., Liden, K., Wayne, R. K. and Ellegren, H. 2001. Widespread origins of domestic horse lineages. *Science* 291:474-477.
- Yap, F. C., Yan, Y. J., Loon, K. T., Zhen, J. L., Kamau, N. W. and Kumaran, J. V. 2010. Phylogenetic analysis of different breeds of domestic chickens in selected area of Peninsular Malaysia inferred from partial cytochrome b gene information and RAPD markers. *Anim. Biotechnol.* 21:226-240.
- Zeder, M. A. and Hesse, B. 2000. The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros Mountain 10,000 years ago. *Science* 287:2254-2257.

(Received Apr. 10, 2012; Revised May 18, 2012; Accepted May 24, 2012)